



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM  
FITOPATOLOGIA**

Av. Dom Manoel de Medeiros, s/n – Dois Irmãos, 52171-900 Recife, PE - Brasil  
Fone: (81) 3320.6213 / E-mail: rosana.blawid@ufrpe.br  
Site: <http://www.ppgf.ufrpe.br>



---

## BIOINFORMÁTICA APLICADA A GENÔMICA

### I – IDENTIFICAÇÃO

Disciplina: Bioinformática aplicada a Genômica

Código: PPGF7342

Carga Horária: 60 horas

Teórica: 10 horas

Prática: 50 horas

Número de Créditos: 4

Caráter: Optativa (Mestrado e Doutorado)

Pré-requisito: Não há

Prof. Responsável: Rosana Blawid

### II - EMENTA

A disciplina abordará o estudo das diferentes plataformas de sequenciamento utilizando principalmente o ambiente LINUX UBUNTU. Os principais programas utilizados na trimagem de sequências e análise de qualidade: trimagem posicional e por qualidade. A aplicação do software usearch para filtragem de sequências contaminantes. Os diferentes parâmetros e compilações de softwares de montagem de genomas, incluindo diferentes pipelines e softwares. A análise da qualidade e *benchmarking* de diferentes montadores. Estudos de mapeamento e extensão de *contigs*. Análises de coberturas de genomas. O uso de diferentes softwares para exposição de dados de genômica.

### III - CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

#### CONTEÚDO TEÓRICO

Unidade 01 – Introdução ao NGS e Illumina.

Unidade 02 - Instalação de softwares aplicados a análise de sequenciamento de última geração em ambiente Linux.

Unidade 03 – Trimagem e filtragem de reads utilizando TRIMMOMATIC e FASTQC

Unidade 04 – Normalização de dados e filtragem utilizando USEARCH

Unidade 05 – Montadores VELVET

Unidade 06 – Montadores SPAdes, MEGAHIT e ABySS

Unidade 07 – Sistema e Servidores Galaxy

Unidade 08 – Análise de montadores utilizando METQUAST

Unidade 09 – Análise de SNPs e Variantes com Samtools

Unidade 10 – Extensão e Mapeamento com software Geneious

---

#### GRADUATE PROGRAM IN PHYTOPATHOLOGY FEDERAL RURAL UNIVERSITY OF PERNAMBUCO

Recife, PE - Brazil

Phone: +55 81 3320.6205 / E-mail: [coordenacao.pgfitopat@ufrpe.br](mailto:coordenacao.pgfitopat@ufrpe.br) / Site: <http://ww2.ppgf.ufrpe.br>



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM  
FITOPATOLOGIA**

Av. Dom Manoel de Medeiros, s/n – Dois Irmãos, 52171-900 Recife, PE - Brasil  
Fone: (81) 3320.6213 / E-mail: rosana.blawid@ufrpe.br  
Site: <http://www.ppgf.ufrpe.br>



## CONTEÚDO PRÁTICO

- Unidade 01 - Métodos de trimagem de dados originados de sequenciamento Illumina..
- Unidade 02 – Métodos de análise de erros de sequenciamento de última geração.
- Unidade 03 – Métodos de Montagem de Genomas em ambiente Linux
- Unidade 04 – Métodos de Filtragem de reads.
- Unidade 05 – Métodos de Extensão e Mapeamento de contigs
- Unidade 06 – Métodos de análise de dados de metagenômica.
- Unidade 07 – Montagem de banco de dados e anotação de genomas.
- Unidade 08 – Métodos de identificação de SNPs e Variantes.
- Unidade 09 – Apresentação e avaliação de dados de sequenciamento em massa.

## IV- SISTEMA DE AVALIAÇÃO

Exames, seminários, relatórios de práticas.

## V- BIBLIOGRAFIA BÁSICA RECOMENDADA

### - LIVROS

- Lloyd L. and Martti T. (2017) Bioinformatics: A practical Handbook of Next Generation Sequencing and its Applications. World Scientific, p. 252.
- Masoudi-Nejad, A., Narimani, Z., Hosseinkhan, N. (2013) Next Generation Sequencing and Sequence Assembly: Methodologies and Algorithms. Springer, p. 92.
- Somnath D and Nettleton D. (2014) Statistical analysis of Next Generation Sequencing Data (Frontiers in Probability and the Statistical Sciences). Springer, p.432.
- Sung, Wing-Kin (2017) Algorithms for Next-Generation Sequencing. CRC, p. 364.

### - ARTIGOS

1. Blawid R, Silva J, Nagata T (2017) Discovering and sequencing new plant viral genomes by next-generation sequencing: description of a practical pipeline. *Annals of Applied Biology*
2. Bankevich A, Nurk S, Antipov D, et al (2012) SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *J Comput Biol* 19:455–477. doi: 10.1089/cmb.2012.0021
3. Li D, Liu C-M, Luo R, et al (2015) MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph. *Bioinformatics* 31:1674–1676. doi: 10.1093/bioinformatics/btv033

---

### GRADUATE PROGRAM IN PHYTOPATHOLOGY FEDERAL RURAL UNIVERSITY OF PERNAMBUCO

Recife, PE - Brazil  
Phone: +55 81 3320.6205 / E-mail: [coordenacao.pgfitopat@ufrpe.br](mailto:coordenacao.pgfitopat@ufrpe.br) / Site: <http://ww2.ppgf.ufrpe.br>



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM  
FITOPATOLOGIA**

Av. Dom Manoel de Medeiros, s/n – Dois Irmãos, 52171-900 Recife, PE - Brasil  
Fone: (81) 3320.6213 / E-mail: [rosana.blawid@ufrpe.br](mailto:rosana.blawid@ufrpe.br)  
Site: <http://www.ppgf.ufrpe.br>



- 
4. Simpson JT, Wong K, Jackman SD, et al (2009) ABySS: a parallel assembler for short read sequence data. *Genome Res* 19:1117–1123. doi: 10.1101/gr.089532.108
  5. Sablok G, Kumar S, Ueno S, et al (2015) Advances in the understanding of biological sciences using next generation sequencing (NGS) approaches.

---

**GRADUATE PROGRAM IN PHYTOPATHOLOGY**  
FEDERAL RURAL UNIVERSITY OF PERNAMBUCO

Recife, PE - Brazil  
Phone: +55 81 3320.6205 / E-mail: [coordenacao.pgfitopat@ufrpe.br](mailto:coordenacao.pgfitopat@ufrpe.br) / Site: <http://ww2.ppgf.ufrpe.br>